

## 199355

การศึกษาครั้งนี้ มีวัตถุประสงค์ เพื่อประเมินประสิทธิภาพการตรวจสืบความสัมพันธ์ พอกับลูกในโคนมที่บันทึกในพันธุ์ประวัติ ด้วยเครื่องหมายพันธุกรรมชนิดไมโครเซทเทลไลท์ โดยทำการเก็บตัวอย่างน้ำเสื้อแข็งพ่อพันธุ์โคนม และเก็บตัวอย่างเลือดจากลูกสาว ที่เขตส่งเสริมการเลี้ยงโคนม อ.ส.ค. ทำการสกัดดีเอ็นเอ และเพิ่มชิ้นส่วนดีเอ็นเอของไมโครเซทเทลไลท์จำนวน 10 ตำแหน่งได้แก่ BM1824, ETH10, BM2113, TGLA122, TGLA227, TGLA126, SPS115, ETH152, ETH3 และ INRA023 ด้วยเทคนิคพีซีอาร์ ทำการอ่านผลด้วยวิธี polyacrylamide gel (PAGE) จากนั้นทำการตรวจสืบผลของความสัมพันธ์ และวิเคราะห์ข้อมูล ผลการศึกษาในการตรวจสืบความสัมพันธ์พอกับลูกสาวในครั้งนี้ พบความไม่สัมพันธ์กันระหว่างพอกับลูกสาว ที่ทำการตรวจสืบด้วย มาตรค่าเบอร์ตั้งแต่ 7-10 ตำแหน่ง จำนวน 26 คู่(พอกับลูกสาว) จากจำนวนที่ศึกษา 75 คู่ และประสิทธิภาพการใช้เครื่องหมายพันธุกรรมชนิดไมโครเซทเทลไลท์ ในการตรวจสืบ ความสัมพันธ์พอกับลูก สามารถให้ความเชื่อมั่นได้อยู่ระหว่าง 88 - 98 % พบค่า PE ที่ได้มีค่าอยู่ระหว่าง 0.05 - 0.66 และจากการศึกษาในครั้งนี้ สามารถนำข้อมูล หรือหลักการที่ได้ไปประยุกต์ใช้เป็นข้อมูลประจำตัวสัตว์ สำหรับบันทึกในพันธุ์ประวัติเพื่อป้องชี้ ลักษณะเฉพาะตัวของสัตว์และใช้ในการตรวจสืบข้อมูลพันธุ์ประวัติ ที่มีความไม่ชัดเจน เป็นการเพิ่มความถูกต้องของ การบันทึกพันธุ์ประวัติ เพื่อเป็นการป้องกันความผิดพลาดที่จะเกิดขึ้นในการประมาณค่าทางพันธุกรรม ซึ่งจะส่งผลต่อความก้าวหน้าทางด้านพันธุกรรมได้

## 199355

The objective of this study was to investigate the paternity testing in dairy cattle. Genomic DNA was extracted from blood samples in the progeny of 10 sires and frozen semen samples in sires. Each PCR was performed using a microsatellite marker for 10 loci (BM1824, ETH10, BM2113, TGLA122, TGLA227, TGLA126, SPS115, ETH152, ETH3 and INRA023) as a specific primer. The PCR products were analyzed using polyacrylmide gel electrophoresis. The allele frequencies, Exclusion Probability (PE) and Combine exclusion probability (CPE) were calculated. The results showed cows that did not inherit paternity allele for at least one loci were considered not to be daughters of the sire listed. Probability of exclusion was range 0.05 - 0.66 and accurate for paternity test was ranged at 88 - 98 %. This study can contribute toward pedigree information, an adequate genetic improvement and breeding program.